

百合科扭柄花属一个新的染色体基数

张挺 顾志建*

(中国科学院昆明植物研究所 昆明 650204)

A new basic chromosome number of $x=7$ for the genus *Streptopus* (Liliaceae)

ZHANG Ting GU Zhi-Jian*

(Kunming Institute of Botany, the Chinese Academy of Sciences, Kunming 650204, China)

Abstract Four populations of *Streptopus simplex* (Liliaceae) from western and northwestern Yunnan Province, China, were investigated cytologically. The chromosome count of the two populations growing in spruce forests from Bitahai and Xiaozhongdian, Shangri-La County (formerly Zhongdian County), northwestern Yunnan, was $2n=16$ with $x=8$, confirming the previous counts for this species, but the count of the two populations growing in alpine scrubs, one from Pianma, Fugong County, and the other from Gongshan County, both of western Yunnan, was $2n=14$ with $x=7$, which represents a new count for the species and a new basic number for the genus. The karyotypes of the two populations from Shangri-La were formulated as $2n=4m+8sm+4st$ and $2n=8m+2sm+6st$, respectively, with the chromosomes changing in size gradually from the largest to the smallest one, and those of the other two populations were formulated as $2n=14=4m+10sm$, and $2n=14=7m+7sm$, respectively, with the first pair of chromosomes being median-centromeric (m) and markedly larger than the remaining ones. As the basic chromosome number of $x=8$ is the commonest one in the genus *Streptopus*, this might be considered as the original number whereas the number of $x=7$ the advanced one. The presence of one pair of much larger chromosomes yet one less pair of smaller subterminal-centromeric (st) ones in the chromosome complement of the $x=7$ populations suggest that this number may have been derived from $x=8$ through the Robertsonian fusion of centromeres.

Key words *Streptopus simplex*, chromosome number variation, Roberstonian fusion.

摘要 对中国云南西部和西北部分布的腋花扭柄花*Streptopus simplex*的4个居群进行了细胞学研究。生长在云南西北香格里拉县(原中甸县)碧塔海和小中甸冷杉林中的腋花扭柄花两个居群的体细胞染色体数目为 $2n=2x=18$,而生长在高黎贡山的福贡县片马和贡山县的灌丛中的植物体细胞染色体数目则为 $2n=2x=14$ 。 $2n=14$ 为腋花扭柄花一个新的染色体数目, $x=7$ 为扭柄花属一个新的染色体基数。香格里拉碧塔海和小中甸两个居群的核型公式分别为 $2n=4m+8sm+4st$ 和 $2n=8m+2sm+6st$,染色体逐渐变小;贡山和福贡片马两个居群的核型公式分别为 $2n=14=4m+10sm$ 和 $2n=14=7m+7sm$,其中第一对中部着丝粒的染色体显著大于其余染色体。由于 $x=8$ 是扭柄花属最常见的染色体基数,因此可认为 $x=8$ 是腋花扭柄花的染色体原始基数, $x=7$ 的数目是衍生的; $x=7$ 居群染色体的一条大染色体可能是由 $x=8$ 的染色体的两条st型染色体的着丝粒发生了罗伯逊易位而来。

关键词 腋花扭柄花; 染色体数目变异; 罗伯逊易位

2004-04-06 收稿, 2005-01-24 收修改稿。

基金项目:国家自然科学重点基金项目(40332021)(Supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 40332021))。

* 通讯作者(Author for correspondence. E-mail: guzhijian@mail.kib.ac.cn)。

扭柄花属*Streptopus* Michx. 隶属于百合科Liliaceae黄精族trib. Polygonateae, 分布于北温带, 约有10种。我国有5种(Chen & Tamura, 2002)。该属已报道染色体数目者有6种(含亚种), 染色体倍性变异较大: *S. amplexifolius* (L.) DC., 2n=32 (Plante, 1995), *S. roseus* Michx., 2n=16 (Plante, 1995), *S. amplexifolius* ssp. *americanus* (Schult. & Schult. f.) Á. Löve & D. Löve, 2n=16+1B (Kapoor et al., 1987), 腋花扭柄花*S. simplex* D. Don, 2n=32(顾志建, 孙航, 1998), *S. koreanus* (Kom.) Ohwi, 2n=24、48 (Hong & Sauer, 1990)。它们的体细胞染色体数目都是8的倍数, 表明扭柄花属的染色体基数为x=8, 只有Takahashi(1976)报道产自日本的*S. streptopoides* Matsum. ssp. *brevipes* (Baker) Calder & Roy L. Taylor为2n=54, 据我们推测当为六倍体6x=54, 基数为x=9。从地理分布看, 北美扭柄花属只有2n=16和2n=32两种染色体数, 而东亚的日本、朝鲜半岛和中国东北有2n=24、48、54, 中国西南有2n=32等多种染色体数目, 说明东亚是扭柄花属染色体分化比较活跃的地区。

据顾志建和孙航(1998)报道, 腋花扭柄花的体细胞染色体数目为2n=32(x=8)。本文对该种产自我国云南高黎贡山两个居群和香格里拉两个居群的染色体进行了研究, 发现高黎贡山的居群的体细胞染色体数目为2n=14, 表明扭柄花属可能存在异基数性(dysploidy), 即x=7、8、9三个染色体基数。本文报道了这一结果。

1 材料和方法

材料来源见表1。凭证标本保存于中国科学院昆明植物研究所标本馆(KUN)。

在活体植株上取根尖。用饱和对二氯苯溶液于室温下处理4 h后, 用卡诺固定液(100%酒精:冰醋酸=3:1)在4℃下固定至少30 min, 然后在70%的酒精中放置10 min, 在60℃水浴中用解离液(1 mol/L HCl:45% CH₃COOH=1:1)解离30 s, 地衣红染色过夜, 常规压片法压片, 照相。每个居群取5~10株, 观察了50个细胞并进行记数统计。核型分析选取5个有丝分裂相好的细胞按李懋学和陈瑞阳(1985)的方法进行, 核型不对称性按Stebbins(1971)的标准划分。

表1 材料来源和染色体数目

Table 1 Four populations of *Streptopus simplex* and their chromosome counts

居群编号 Population No.	采集地 Locality	海拔 Altitude (m)	生境 Habitat	凭证标本 Voucher	染色体数目 Chromosome number
1	云南贡山 Gongshan, Yunnan	3440	alpine scrub	张挺 (T. Zhang) 141 (KUN)	2n=14
2	云南福贡片马 Pianma, Fugong, Yunnan	3100	alpine meadow and bamboo scrub	张挺 (T. Zhang) 151 (KUN)	2n=14
3	云南香格里拉碧塔海 Bitahai, Shangri-La, Yunnan	3600	spruce forest	张挺 (T. Zhang) 161 (KUN)	2n=16
4	云南香格里拉小中甸 Xiaozhongdian, Shangri-La, Yunnan	3500	spruce forest	张挺 (T. Zhang) 171 (KUN)	2n=16

2 结果

片马和贡山居群的染色体数目为 $2n=14$ 。两个居群的核型基本一致,第一对染色体都是m染色体,其长度约为其余染色体的两倍(图1:A,B)。片马居群的核型公式为 $2n=7m+7sm$ (图1:F;表2),贡山居群的核型公式为 $2n=4m+10sm$ (图1:E;表2),核型属于2B型。其中片马居群第5对染色体的一条为m型(臂比=1.70),另一条为sm型(臂比=1.78)。

香格里拉碧塔海和小中甸居群 $2n=16$ 。两居群没有一对大的m型染色体。核型中的染色体逐渐变小(图1:C,D)。碧塔海居群的核型公式为 $2n=8m+2sm+6st$,核型属于2B型(图1:G;表2);小中甸居群的核型公式为 $2n=4m+8sm+4st$,核型3B型(图1:H;表2)。

表2 腋花扭柄花4个居群的染色体参数

Table 2 Parameters of chromosomes in four populations of *Streptopus simplex*

Karyotype formula	小中甸居群			碧塔海居群			片马居群			贡山居群		
	Xiaozhongdian population			Bitahai population			Pianma population			Gongshan population		
Chromosome No.	RL	AR	Type	RL	AR	Type	RL	AR	Type	RL	AR	Type
	1	9.77	3.00	st	9.38	3.22	st	13.71	1.26	m	13.79	1.14
1	9.42	3.15	st	8.89	3.00	st	12.13	1.70	m	12.50	1.27	m
2	8.73	3.17	st	8.89	3.50	st	8.09	1.25	m	7.54	2.15	sm
2	7.16	4.13	st	7.65	3.43	st	7.87	1.69	m	6.99	2.45	sm
3	7.16	2.72	sm	6.91	2.50	st	7.19	2.20	sm	6.62	2.27	sm
3	7.16	2.72	sm	6.67	2.38	st	6.29	2.11	sm	6.43	1.91	sm
4	6.28	2.27	sm	6.42	1.60	m	6.29	2.11	sm	6.25	1.83	sm
4	6.28	2.60	sm	6.17	1.27	m	5.84	2.71	sm	6.25	2.09	sm
5	5.93	1.83	sm	5.68	2.29	sm	6.07	1.70	m	6.07	1.75	sm
5	5.24	2.75	sm	5.68	2.29	sm	5.62	1.78	sm	5.88	1.90	sm
6	4.89	2.11	sm	5.43	1.44	m	5.62	1.78	sm	5.51	1.31	m
6	4.54	2.25	sm	4.94	1.50	m	5.39	2.00	sm	5.33	1.64	m
7	4.54	1.36	m	4.44	1.25	m	5.17	1.30	m	5.88	2.20	sm
7	4.36	1.50	m	4.69	1.37	m	4.72	1.33	m	4.96	2.25	sm
8	4.53	1.60	m	4.20	1.43	m						
8	4.01	1.56	m	3.95	1.67	m						

RL, 相对长度; AR, 臂比值; Type, 染色体类型。

RL, relative length; AR, arm ratio; Type, type of chromosomes.

3 讨论

本文的研究结果表明,扭柄花属除了 $x=8$ 、 9 两个染色体基数外,还有 $x=7$ 这一基数。

染色体数目的变异可以导致物种起源,是植物进化的一种重要方式。着丝粒横裂和着丝粒合并是染色体变异的重要方式之一,它直接影响着染色体的数目、形态和结构(袁永

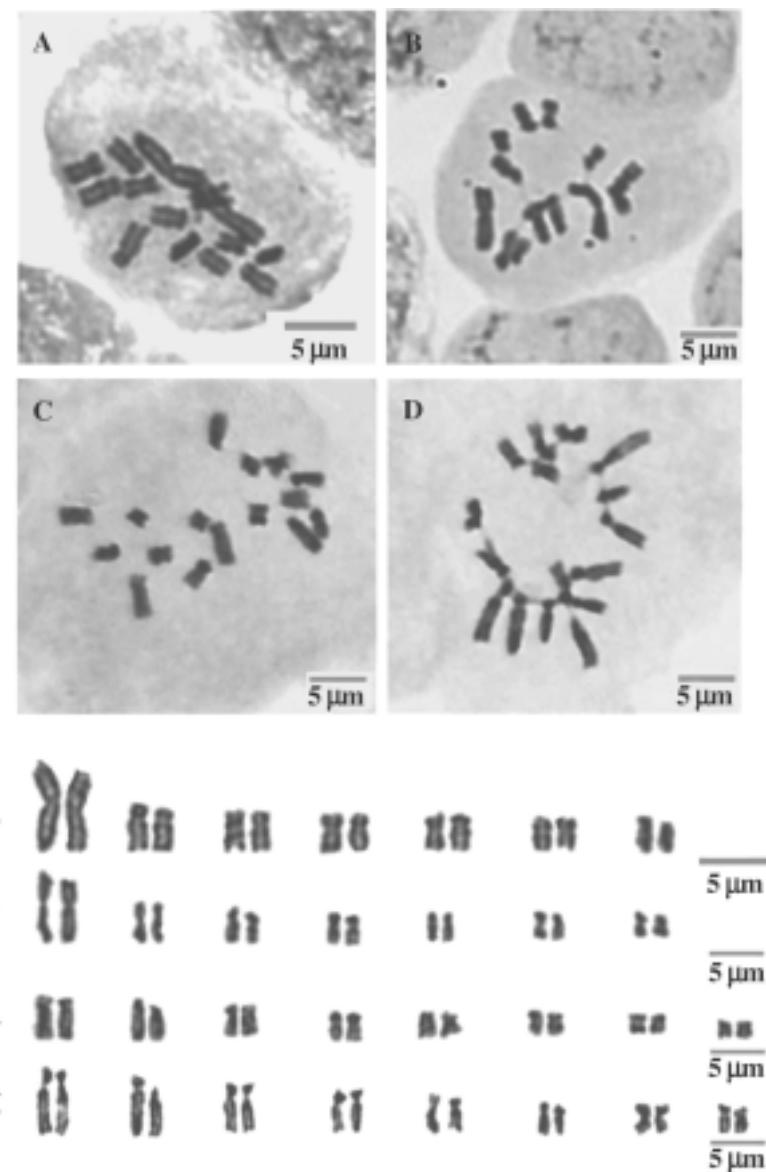


图1 腋花扭柄花4个居群的体细胞染色体中期图和核型图 A, E. 贡山居群 $2n=14=8m+6sm$ 。B, F. 片马居群 $2n=14=6m+8sm$ 。C, G. 碧塔海居群 $2n=16=6m+6sm+4st$ 。D, H. 小中甸居群 $2n=16=6m+6sm+4st$ 。

Fig. 1. Photomicrographs of chromosomes and karyotypes of four populations in *Streptopus simplex*. **A, E**, Gongshan population, $2n=14=8m+6sm$. **B, F**, Pianma population, $2n=14=6m+8sm$. **C, G**, Bitahai population, $2n=16=6m+6sm+4st$. **D, H**, Xiaozhongdian population, $2n=16=6m+6sm+4st$.

明, 1989)。在动物中着丝粒横裂和着丝粒合并是核型变异的一种非常重要的方式, 已有许多经典的例证, 但在高等植物中这样的例证虽然近年有所增加, 但相对而言仍然很少 (Jones, 1998)。着丝粒横裂和着丝粒合并可以通过比较染色体核型观察到。几个经典的例子如洪德元(1986)对飞燕草属 *Consolida* Riv. ex Rupp. 的 $x=9$ 新基数起源的研究; Hunt (1980)对 *Tradescantia* L. 属的 sect. *Zebrina* 和 sect. *Cymbispatha* 组内的着丝粒合并的判断都是基于核型分析。

比较腋花扭柄花4个居群的核型可以看出, 碧塔海和小中甸居群($2n=16, x=8$)均有两对 st型染色体, 而贡山和片马居群($2n=14, x=7$)则没有st染色体, 却有一对m染色体, 从相对长度看这一对m染色体大约为其他染色体长度的2倍, 因此, 我们推测这4个居群染色体数目和基数的变异是由于着丝粒发生横裂或合并所致, 即一对m染色体横裂为两对st染色体或两对st染色体合并为一对m染色体。

由于一条m染色体发生着丝粒横裂的直接产物应是两条t染色体, 而两条st染色体通过着丝粒合并形成一条m染色体是容易实现的, 故腋花扭柄花中 $2n=16$ 居群的两对st染色体合并为一对m染色体的可能性更大; 另一方面, 判断着丝粒横裂与合并的另一条准则是确定分类群的原始基数, 由原始基数上行, 伴随中部着丝粒染色体的减少和端部着丝粒染色体的增加的变化为横裂, 反之则为合并 (袁永明, 1989)。本属的原始基数尚不清楚。本属有报道的种类的染色体基数为 $x=8$, 因此若认为 $x=8$ 是原始基数, 则 $x=7$ 为新基数, 本类群发生的是着丝粒合并。一般认为着丝粒合并的机制是一条具端部或近端部着丝粒染色体的短臂和另一条类似染色体的长臂在近轴区断裂, 接着发生合并, 分别把长臂和长臂、短臂和短臂衔接起来, 结果形成两条具中部着丝粒的染色体, 一条大, 另一条很小, 由于这条大染色体已经含有绝大部分原有遗传信息, 而小染色体在遗传上已不重要, 再加上其太小以至减数分裂时进行联会和形成交叉的可能性微乎其微, 因此常常丢失 (洪德元, 1990; Jones, 1998), 但植物的表形特征一般不会有明显变异。

m染色体发生横裂更容易: 着丝点平行断裂后, 容易形成具有功能的端部着丝粒染色体 (袁永明, 1989)。一旦发生着丝粒横裂必将改变连锁基因群的关系, 从而表现出多种效应或是生理生态方面或是形态方面的变异, 最后在居群间产生后生的基因交流障碍, 新的遗传结构和功能或多或少会导致表型特征发生一些变异以至新种的形成 (Jones, 1998)。我们仔细分析观察了两种基数4个居群的活植物及标本, 没有发现它们之间在形态特征上有明显的变异。综合以上分析, 我们推测腋花扭柄花的 $x=7$ 的染色体新基数是由 $x=8$ 的染色体组中的1对大型的m染色体的着丝粒发生合并而来。

从生长环境看, 本文研究的腋花扭柄花的碧塔海和小中甸居群($2n=16$)生长在海拔3500 m左右的云杉林里, 而贡山和福贡片马居群($2n=14$)生长在海拔3100–3400 m的高山草甸或竹林灌丛中, 根据野外观察, 生境的差异并未在形态上表现太大的差异, 但从 $x=7$ 的居群能正常结实来看, 该类群可能是一个已经适应了滇西北高山草甸生境的类群。

参 考 文 献

Chen S-C (陈心启), Tamura M N. 2002. Liliaceae. In: Wu Z-Y, Raven P H eds. Flora of China. Beijing:

Science Press; St. Louis: Missouri Botanical Garden Press. 24: 153.

Gu Z-J (顾志建), Sun H (孙航). 1998. The chromosome report of some plants from Motuo, Xizang (Tibet). *Acta Botanica Yunnanica* (云南植物研究) 20: 207–210.

Hong D-Y (洪德元). 1986. Biosystematic observation on 5 species of *Consolida* (Ranunculaceae). *Acta Botanica Sinica* (植物学报) 28: 1–10.

Hong D-Y (洪德元), Sauer W. 1990. Cytotaxonomical studies of the Liliaceae (s.l.) in the Changbai Mountains of northeastern China. *Cathaya* 2: 151–164.

Hunt D R. 1980. Sections and series in *Tradescantia*. American Commelinaceae IX. *Kew Bulletin* 35: 437–442.

Kapoor B M, Ramcharitar S, Gervais C. 1987. Liste annotée de nombres chromosomiques de la flore vasculaire du nord-est de l'Amérique. V. *Naturaliste Canadien* 114: 105–116.

Jones K. 1998. Robertsonian fusion and centric fission in karyotype evolution of higher plants. *The Botanical Review* 64: 273–289.

Li M-X (李懋学), Chen R-Y (陈瑞阳). 1985. A suggestion on the standardization of karyotype analysis in plants. *Journal of Wuhan Botanical Research* 3: 297–302.

Plante S. 1995. IOPB chromosome data 10. International Organization of Plant Biosystematics Newsletter 25: 9–10.

Stebbins G. 1971. Chromosomal Evolution in Higher Plants. London: Edward Arnold Ltd.

Takahashi. 1976. Comparison of *Streptopus streptopoides* subsp. *brevipes* with its relatives, and chromosome number of *S. streptopoides* subsp. *brevipes*. *Bulletin of the Kanagawa Prefectural Museum* 9: 1–5.

Yuan Y-M (袁永明). 1989. Centric fission, centric fusion and their significance in chromosomal evolution of higher plants. *Guizhou Botany* 9: 67–75.